

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

MICHELE DE SIQUEIRA ANSELMO

MODELO DIDÁTICO SOBRE O DOGMA CENTRAL DA BIOLOGIA MOLECULAR

CURITIBA

2014

MICHELE DE SIQUEIRA ANSELMO

MODELO DIDÁTICO SOBRE O DOGMA CENTRAL DA BIOLOGIA MOLECULAR

Monografia apresentada como requisito parcial à conclusão do Curso de Especialização em Genética para Professores do Ensino Médio, na modalidade de Ensino a Distância, da Universidade Federal do Paraná.

Orientador: Prof^ª: Dra. Angélica Boldt

CURITIBA

2014

AGRADECIMENTOS

Agradeço a minha orientadora Dra. Angélica Boldt pelo apoio e confiança neste projeto.

Agradeço ao programa Pós Graduação de Educação à Distância da Universidade Federal do Paraná.

Ao tutor Gustavo Góes pelas considerações ao longo do curso.

A coordenadora geral do curso professora Dra. Nina Pagnan e professor Dr. Ricardo L. de Souza.

Agradeço a professora Dra. Lupe Alle pelas aulas presenciais e pela disposição e serenidade ao ensinar.

Agradeço também a minha família e amigos pelo incentivo de mais esta conquista.

RESUMO

O dogma central da biologia molecular consiste nos processos de replicação e transcrição do ácido desoxirribonucleico (DNA) e tradução do ácido ribonucleico (RNA). Devido às dificuldades de muitos alunos em assimilar o conteúdo de Biologia somente através de imagens de livros didáticos, este trabalho teve como objetivo a produção de um modelo didático baseado nos livros didáticos de ensino médio da rede estadual de educação do estado do Paraná, para demonstrar, de forma lúdica, o conteúdo abordado. Utilizando-se de recursos de baixo custo como massa de modelar, canetinha e papel cartão, foi possível construir um modelo semi-plano (em alto relevo) representando várias etapas dos processos. Especificamente, buscou-se enfatizar a função e a interação das enzimas implicadas nestes processos. Por meio deste modelo, foi possível promover uma melhor compreensão do conteúdo já aplicado durante as aulas de Biologia, além de conquistar e despertar o interesse e a interação dos alunos em estudos referentes aos mecanismos fundamentais para a reprodução e a manutenção da célula eucariótica.

Palavras-chave: Replicação, Transcrição, Tradução, Modelo Didático.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 - REPLICAÇÃO DO DNA.....	11
FIGURA 2 - PROCESSO DE TRANSCRIÇÃO DO DNA	13
QUADRO 1 - CÓDIGO GENÉTICO UNIVERSAL	14
FIGURA 3 - FASE DE INICIAÇÃO DA TRADUÇÃO	16
FIGURA 4 - FASE DE ALONGAMENTO DO POLIPEPTÍDEO	17
FIGURA 5 - FASE DE TERMINAÇÃO DA TRADUÇÃO	18

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

DNA	- Ácido desoxirribonucleico
REG	- Retículo endoplasmático granuloso
RNA	- Ácido ribonucleico
RNA _m	- Ácido ribonucleico mensageiro
RNA _t	- Ácido ribonucleico transportador
RNA _r	- Ácido ribonucleico ribossômico

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	8
1.1	JUSTIFICATIVA.....	9
1.2	OBJETIVOS	9
1.2.1	Objetivo Geral.....	9
1.2.2	Objetivos Específicos	10
2	DOGMA CENTRAL DA BIOLOGIA MOLECULAR	10
2.1	DUPLICAÇÃO DO DNA	10
2.2	SÍNTESE DE RNA: TRANSCRIÇÃO.....	12
2.2.1	O código genético	13
2.3	SÍNTESE DE PROTEÍNAS: TRADUÇÃO	15
3	MATERIAIS E MÉTODOS	19
4	APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS	20
4.1	MODELO PARA REPLICAÇÃO (ANEXO A)	21
4.2	MODELO PARA TRANSCRIÇÃO (ANEXO B)	21
4.3	MODELO PARA TRADUÇÃO (ANEXO C)	21
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS	22
	REFERÊNCIAS.....	23
	ANEXO A	24
	ANEXO B	25
	ANEXO C	26

1 INTRODUÇÃO

Dentro da disciplina de Biologia, estuda-se, entre outros conteúdos, o dogma central da Genética Molecular: Replicação e Transcrição do DNA e Tradução do mRNA. Embora os livros didáticos destas disciplinas contenham figuras coloridas de todos esses processos, essas figuras não possibilitam uma visão mais concreta das estruturas envolvidas e de como ocorrem tais processos, que se tornam abstratos. Muitos alunos têm dificuldade, por exemplo, em criar uma imagem mental e assimilar os conceitos dos diversos níveis estruturais de uma proteína, baseando-se apenas na observação de figuras de livros didáticos. Da mesma forma, processos complexos e que envolvem a participação simultânea de várias moléculas, como a replicação do DNA ou a tradução do mRNA, muitas vezes não são imediatamente evidentes aos alunos. Deste modo, o estudo e a apreensão das funções e inter-relações das macromoléculas celulares e dos processos biológicos que as envolvem podem ser facilitados quando os alunos constroem, manipulam e interagem livremente com estruturas tridimensionais ou semi-planas (em alto relevo), ao invés da simples observação das figuras projetadas durante as aulas teóricas ou consultadas nos livros didáticos.

Os modelos didáticos têm sido empregados como uma ferramenta eficiente para auxiliar na estratégia de ensino, facilitando o aprendizado através da representação de conceitos e permitindo que os conteúdos teóricos sejam revistos em aulas mais dinâmicas e interativas. O uso de modelos didáticos desperta a curiosidade, a atenção e uma atitude ativa e crítica por parte dos alunos, que são um conjunto de fatores essenciais para uma aprendizagem efetiva (AVERSI-FERREIRA *et al.*, 2008; FREITAS *et al.*, 2008; JUSTINA e FERLA, 2006; LIMA e LIMA-NETO, 1999; SEPEL e LORETO, 2007). Neste trabalho, tem-se como objetivo a construção de um modelo didático para através dele explicar os processos de replicação, transcrição e tradução a alunos do ensino médio.

1.1 JUSTIFICATIVA

Trabalhar com Biologia e Ciências, sem que o aluno tenha contato direto com material biológico ou experimental, parece ser um admirável exercício de imaginação. De acordo com KRASILCHIK (2004):

“os objetivos do ensino de biologia seriam: aprender conceitos básicos, analisar o processo de pesquisa científica e analisar as implicações sociais da ciência e da tecnologia. A biologia pode ser uma das disciplinas mais relevantes e merecedoras da atenção dos alunos, ou uma das disciplinas mais insignificantes e pouco atraentes, dependendo do que for ensinado e de como isso for feito”. (KRASILCHIK, 2004)

Considerando as dificuldades de aprendizagem expressadas pelos alunos sobre o dogma central da Genética Molecular, é justificável buscar a utilização de métodos de ensino diferenciados, como, por exemplo, um modelo didático em relevo, para demonstrar as principais etapas dos processos biológicos envolvendo os processos de replicação, transcrição e tradução. A visualização dos processos em várias etapas através de modelos que possam ser confeccionados posteriormente pelos próprios alunos facilita o aprendizado, tendo em vista que estabelecendo relações de proporcionalidade aproximam o modelo didático da realidade, explorando ainda, com o manuseio dos modelos, o desenvolvimento sensório-motor, visual e estético.

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo Geral

Criar os modelos didáticos para facilitar a aprendizagem do tema e aplicá-lo em sala de aula aos alunos do ensino médio, para que os mesmos possam compreender visualmente os processos de replicação, transcrição e tradução.

1.2.2 Objetivos Específicos

Os objetivos específicos do trabalho são:

- a) Construir um modelo em alto-relevo que permita compreender como ocorrem os processos de replicação, transcrição e tradução, utilizando-se de massa de modelar e/ou massa de biscoito.
- b) Construir, com o material acima, elementos que permitam identificar as diferentes enzimas e compreender suas funções em cada processo.
- c) Aumentar, por meio das explicações associadas à construção sequencial do modelo, o entendimento da necessidade e função de tais processos no organismo.

2 DOGMA CENTRAL DA BIOLOGIA MOLECULAR

O dogma central da biologia molecular foi descrito por Francis Crick em 1958 na tentativa de relacionar o DNA, o RNA e as proteínas. O DNA pode se replicar e dar origem a novas moléculas de DNA. Pode ainda ser transcrito em RNA, e este ser traduzido, de acordo com o código genético, em proteínas.

2.1 DUPLICAÇÃO DO DNA

Antes de se dividir, a célula duplica o DNA por um processo chamado duplicação semiconservativa, pelo fato de que cada DNA novo possui uma das cadeias de nucleotídeos da molécula-mãe e a outra fita nova, garantindo que as células resultantes do processo recebam o mesmo material genético (Figura 1). Na duplicação do DNA há participação de várias enzimas. Primeiramente a enzima Helicase faz a abertura das pontes de hidrogênio, para que a DNA polimerase faça a síntese do DNA no sentido 5' - 3'. A DNA polimerase não consegue iniciar a produção de uma nova fita dessa molécula usando apenas o molde de DNA (uma das fitas abertas). Nesse caso, também é necessário que, aderido a esse molde, exista um pequeno segmento de RNA chamado primer ou iniciador, sintetizado por uma RNA polimerase (também chamada primase) e que oferece uma extremidade 3'-OH livre para que a DNA polimerase continue o processo de duplicação dessa nova fita.

Posteriormente, esse primer é retirado e substituído pelo DNA por meio de uma enzima chamada polimerase I. Como cada fita da molécula de DNA corre em sentido inverso, a sua duplicação ocorre em direções opostas. Durante a abertura da forquilha de replicação, um dos filamentos apresenta-se no sentido 5' - 3' e o outro no sentido 3' - 5'. Assim, embora a progressão da síntese dessas duas fitas aconteça simultaneamente, à medida em que essa forquilha é estendida, em uma delas a DNA polimerase sempre terá uma extremidade 3'-OH livre para colocar o próximo nucleotídeo. Na outra, de tempos em tempos, será necessária a síntese de um novo primer, para que ela possa continuar esse processo. Um dos novos filamentos de DNA é sintetizado continuamente pela DNA polimerase III e o outro, precisa ser sintetizado em partes, formando assim os Fragmentos de Okazaki. Estes são justamente os trechos curtos de DNA produzidos temporariamente na fita de replicação descontínua. Em seguida, os primers de RNA são removidos de ambas as fitas pela DNA polimerase I que, ao mesmo tempo, vai completando a síntese da fita de DNA no trecho liberado. Por fim, os filamentos adjacentes de DNA são unidos pela DNA ligase (LOPES e ROSSO, 2005).

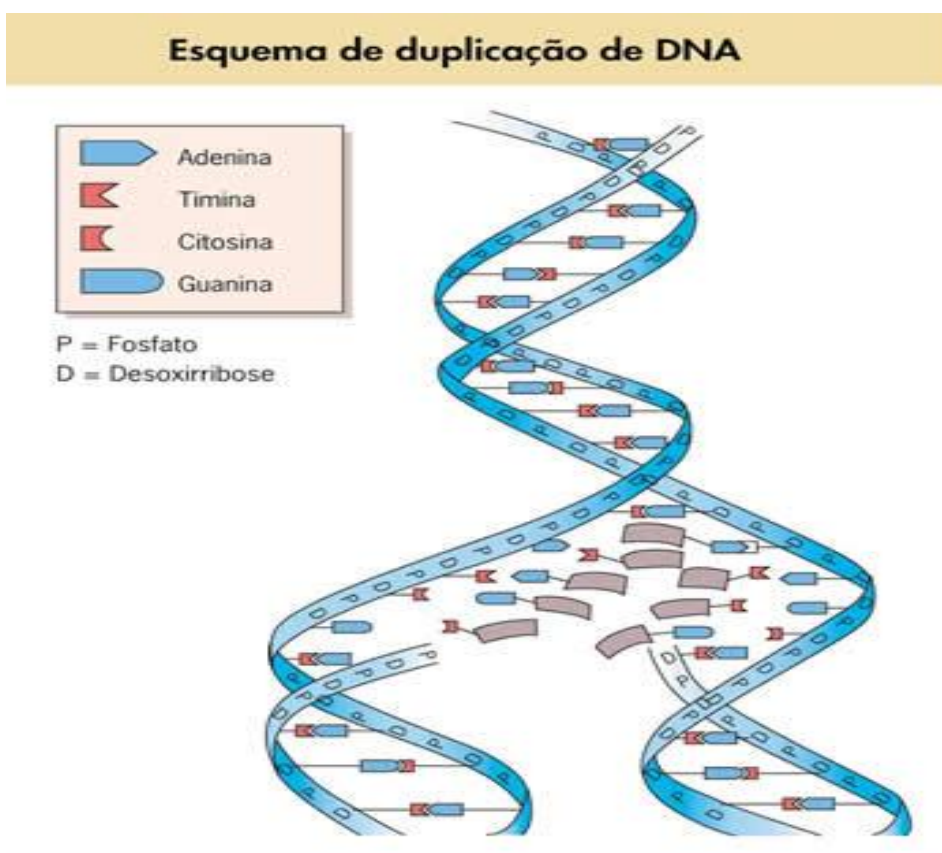


FIGURA 1 - REPLICAÇÃO DO DNA

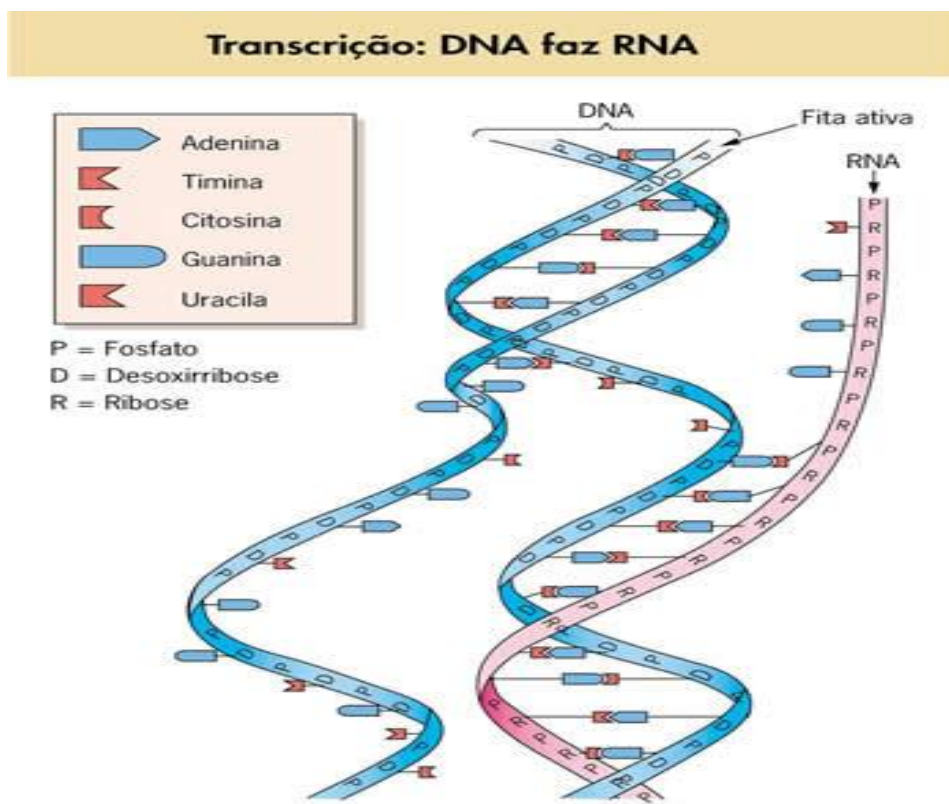
FONTE: www.sobiologia.com.br/conteudos/Citologia2/AcNucleico3.php acessado em 03/07/2014

2.2 SÍNTESE DE RNA: TRANSCRIÇÃO

O RNA é formado por um processo denominado transcrição: o trecho da molécula de DNA que contém um gene a ser transcrito abre-se, e nesse ponto inicia-se o emparelhamento de nucleotídeos do RNA por ação da enzima RNA-polimerase. Para isso existe o sítio promotor, que é a região da molécula de DNA que informa o local em que um determinado gene se origina. O sítio promotor é composto por sequências específicas de nucleotídeos que são reconhecidas pelas enzimas responsáveis pela síntese de RNA. É depois dessa sequência que uma molécula de RNA começa a ser sintetizada. Por outro lado, a região finalizadora contém uma sequência nucleotídica também específica, que indica onde a transcrição da molécula de RNA deverá ser encerrada (Figura 2). Completado o emparelhamento, o RNA se solta.

Os nucleotídeos do RNA (ribonucleotídeos) possuem os mesmos constituintes básicos do DNA, diferindo apenas quanto ao açúcar, que no caso é a ribose, e quanto a uma das bases nitrogenadas, pois possuem uracila (U) em vez de timina (T).

Na formação do RNA, o emparelhamento de nucleotídeos ocorre de forma definida, pois as bases nitrogenadas são complementares. Assim, se um trecho do DNA tiver a sequência ATCG, o RNA que se formará terá a sequência UAGC (LOPES e ROSSO, 2005).



Formação do RNAm

FIGURA 2 - PROCESSO DE TRANSCRIÇÃO DO DNA

FONTE: LOPES e ROSSO (2005).

2.2.1 O código genético

Cada proteína é formada por uma sequência específica de aminoácidos que é determinada pelo gene. Sabe-se que existem vinte tipos diferentes de aminoácidos e que cada gene é formado por uma sequência de bases nitrogenadas. Como será que os quatro tipos de bases nitrogenadas no gene conseguem codificar vinte tipos diferentes de aminoácido?

Se considerarmos que cada base codifica um aminoácido, então só poderiam existir quatro aminoácidos, mas existem vinte. Propôs-se, então, que as bases nitrogenadas formariam uma linguagem em código e que cada código corresponderia a um aminoácido. Surgiu, assim, a expressão código genético.

Inicialmente supôs-se que cada código seria formado pela combinação de duas bases nitrogenadas. Entretanto, quando se faz o cálculo do número total de combinações possíveis entre as quatro bases nitrogenadas em grupos de dois, verifica-se que esse número é dezesseis, menor do que o número total de aminoácidos. Desse modo, o código genético não poderia ser formado por pares de bases nitrogenadas.

Após várias experimentações e comprovações, chegou-se à conclusão de que são trincas de bases nitrogenadas que codificam os aminoácidos: é o código de trincas ou tríades.

A combinação das quatro bases nitrogenadas em grupos de três dá um total de 64 trincas possíveis. Esse número é muito maior do que o número total de aminoácidos. Entretanto, provou-se experimentalmente que um mesmo aminoácido pode ser codificado por mais de uma trinca, havendo, assim, trincas sinônimas (Quadro 1). Por isso, diz-se que o código genético é degenerado, pois um aminoácido pode ser codificado por mais de uma trinca.

Além disso, existem três trincas que não codificam aminoácidos mas determinam o fim do polipeptídeo. (LOPES e ROSSO, 2005).

QUADRO 1 - CÓDIGO GENÉTICO UNIVERSAL

		2.ª BASE					
		U	C	A	G		
1.ª BASE	U	UUU } Fenilalanina (Fen) UUC UUA } Leucina (Leu) UUG	UCU } Serina (Ser) UCC UCA UCG	UAU } Tirosina (Tir) UAC UAA } Codão de finalização UAG } Codão de finalização	UGU } Cisteína (Cis) UGC UGA } Codão de finalização UGG } Triptofano (Trp)	U	3.ª BASE
	C	CUU } Leucina (Leu) CUC CUA CUG	CCU } Prolina (Pro) CCC CCA CCG	CAU } Histidina (His) CAC CAA } Glutamina (Glu) CAG	CGU } Arginina (Arg) CGC CGA CGG	C	
	A	AUU } Isoleucina (Ile) AUC AUA AUG } Metionina (Met) codão de iniciação	ACU } Treonina (Tre) ACC ACA ACG	AAU } Asparagina (Asn) AAC AAA } Lisina (Lis) AAG	AGU } Serina (Ser) AGC AGA } Arginina (Arg) AGG	A	
	G	GUU } Valina (Val) GUC GUA GUG	GCU } Alanina (Ala) GCC GCA GCG	GAU } Ácido aspártico (Asp) GAC GAA } Ácido glutâmico (Glu) GAG	GGU } Glicina (Gli) GGC GGA GGG	G	

Diferentes códons que codificam os aminoácidos

FONTE: <http://essaeeoutras.xpg.uol.com.br/tabela-do-codigo-genetico-universal-com-codons-rnam-aminoacidos> acessado em 25/05/2014

2.3 SÍNTESE DE PROTEÍNAS: TRADUÇÃO

O processo de síntese de proteínas denomina-se tradução e dele participam três tipos de RNA:

- RNA ribossômico (RNAr) – ocorre associado a proteínas, formando os ribossomos.
- RNA mensageiro (RNAm) – é formado por um filamento simples que contém várias sequências de três bases nitrogenadas, sendo cada conjunto de três bases chamado códon. A sequência dos códons determina a sequência de aminoácidos da proteína. O RNAm leva a informação do DNA dos cromossomos para a produção dos polipeptídeo no citoplasma.
- RNA transportador (RNAt) – é o menor RNA da célula e tem o formato de uma folha de trevo. Em uma das extremidades livres de sua molécula há sempre a sequência ACG de bases nitrogenadas, onde ocorre a associação do RNAt com o aminoácido. Em outra região da molécula há uma sequência de três bases denominada anticódon, que reconhece o códon no RNAm. Isso determina a posição do aminoácido na proteína.

Havendo necessidade de determinado polipeptídeo, será formado um RNAm por transcrição de um gene específico do DNA, levando a informação até o local de síntese proteica no citoplasma.

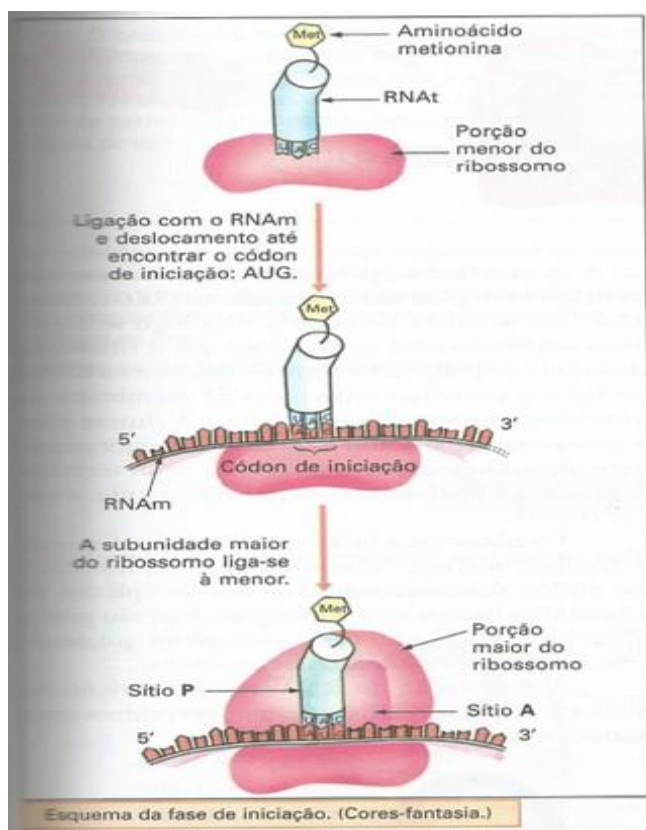
Toda molécula de RNAm possui:

- Um códon de iniciação, que é sempre o mesmo (AUG), correspondente ao aminoácido metionina;
- Vários códons que determinam a sequência dos aminoácidos no polipeptídeo;
- Um códon de terminação, que marca o final daquela cadeia polipeptídica, podendo ser UAG, UAA ou UGA; só há um deles na molécula de RNAm.

A tradução ocorre em três etapas sucessivas: iniciação, alongamento e terminação.

Na etapa de iniciação, a porção menor do ribossomo associa-se ao RNAt da metionina e juntos passam a percorrer a molécula de RNAm até encontrarem o códon de iniciação: AUG (Figura 3). Quando encontram a subunidade maior do ribossomo une-se à subunidade menor.

Para isso, existem no ribossomo três sítios: sítio A (de aminoacil) onde ocorre a entrada do aminoácido, sítio P (de peptil) onde fica o polipeptídeo em formação e o sítio E (de exit ou saída), por onde sai o RNAt descarregado. O RNAt da metionina fica associado ao sítio P do ribossomo, e os sítios A e P permanecem, nesse momento, vazios. Portanto, a metionina sempre é o primeiro aminoácido da cadeia polipeptídica (LOPES e ROSSO,2005).



Ocorre a ligação com o RNAm e deslocamento até encontrar o códon de iniciação: AUG. A subunidade maior do ribossomo liga-se à menor.

FIGURA 3 - FASE DE INICIAÇÃO DA TRADUÇÃO

FONTE: LOPES e ROSSO (2005).

Tem início agora a etapa de alongamento. Um RNAt do aminoácido que corresponde ao códon seguinte do RNAm, encaixa-se no sítio A. Uma ligação peptídica é estabelecida entre os dois aminoácidos e o RNAt da metionina é liberado pelo sítio E. O ribossomo desloca-se no RNAm e os dois aminoácidos unidos passam a ocupar o sítio P, deixando o sítio A vazio (Figura 4).

Então, outro RNAt, com um terceiro aminoácido que seja reconhecido pelo terceiro códon do RNAm, entra no sítio A e ocorre a formação de outra ligação

peptídica entre o segundo e o terceiro aminoácidos. O RNAt do segundo aminoácido é liberado e o ribossomo se desloca até o próximo códon. A cadeia formada por três aminoácidos passa a ocupar o sítio P, deixando novamente o sítio A vazio.

Essa sequência de eventos se repete e o polipeptídeo vai sendo formado (LOPES e ROSSO, 2005).

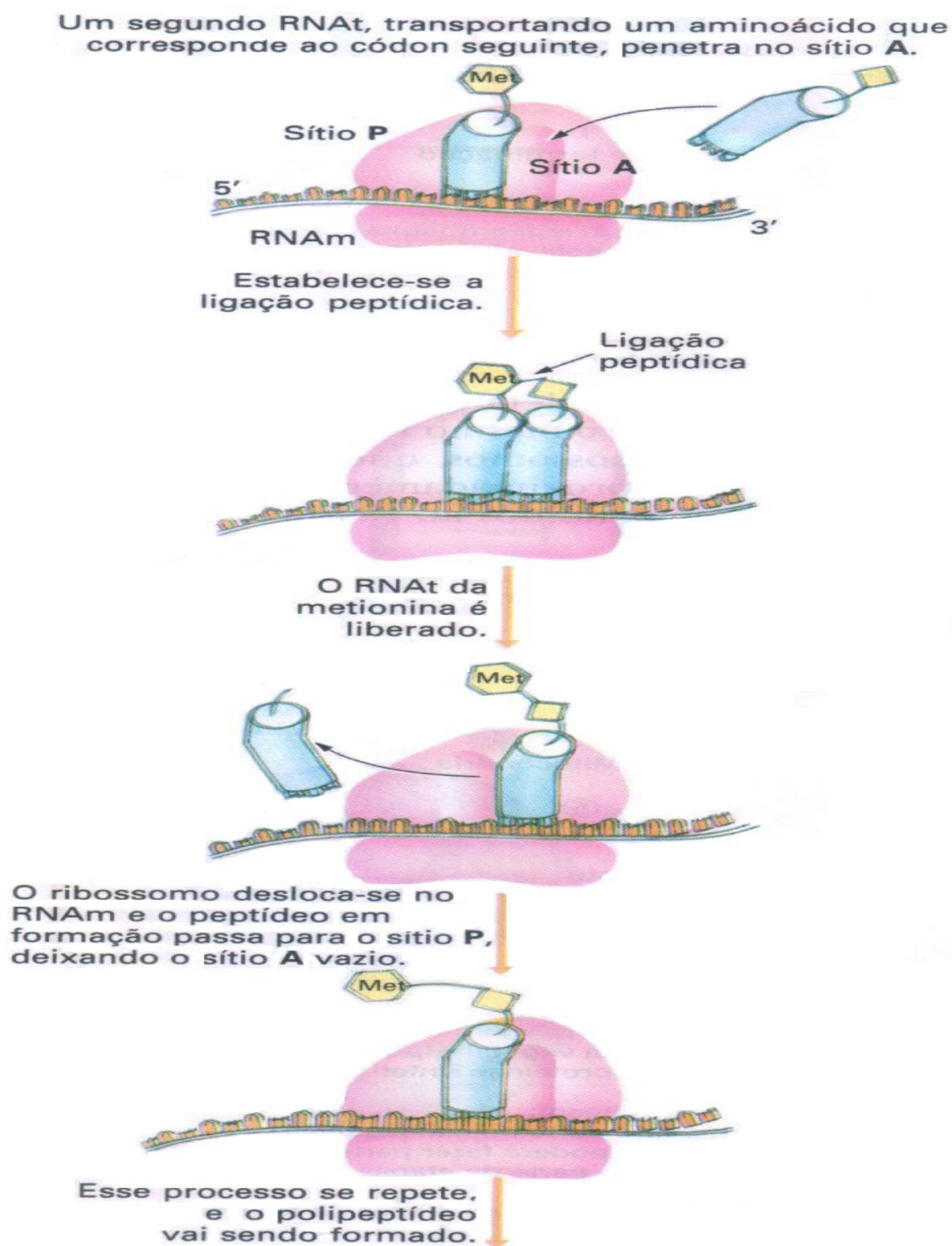
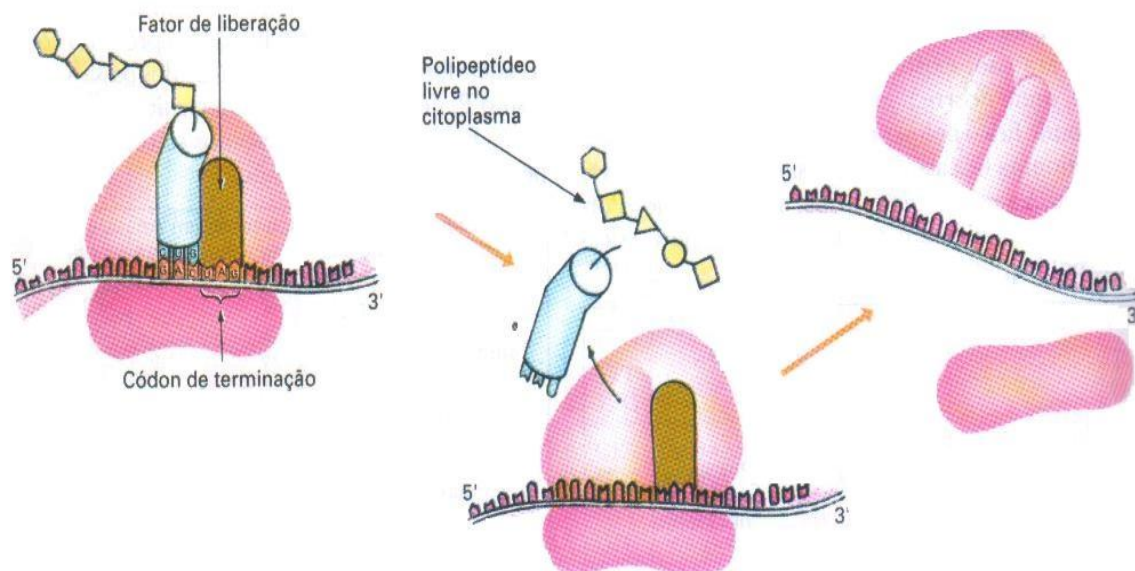


FIGURA 4 - FASE DE ALONGAMENTO DO POLIPEPTÍDEO

FONTE: LOPES e ROSSO (2005).

Na fase de terminação, o sítio A é ocupado por proteínas citoplasmáticas que se ligam diretamente ao códon de terminação do RNAm, cessando a síntese daquela molécula de polipeptídeo (Figura 5). Ela é liberada do ribossomo, as subunidades maior e menor do ribossomo dissociam-se e o RNAm fica livre no citoplasma. A metionina do início da cadeia pode ser removida ou fazer parte do polipeptídeo.



O fator de liberação entra no sítio A ligando-se ao códon de terminação, e o polipeptídeo fica livre no citoplasma.

FIGURA 5 - FASE DE TERMINAÇÃO DA TRADUÇÃO

FONTE: LOPES e ROSSO (2005).

A síntese completa de uma proteína leva de 20 a 60 segundos, e o mesmo RNAm pode ser traduzido por vários ribossomos simultaneamente, que mantêm uma distância entre si de aproximadamente 80 nucleotídeos. Vários ribossomos unidos ao RNAm são chamados de polissomos.

A síntese de proteínas pode ocorrer no retículo endoplasmático granuloso (REG). Nesse caso, ela se inicia no citosol, mas logo se forma uma sequência-sinal que faz com que o ribossomo associado ao polipeptídeo em formação e ao RNAm se ligue a proteínas específicas da membrana do retículo endoplasmático granuloso. A síntese prossegue com o ribossomo associado à membrana do retículo

endoplasmático granuloso e, ao término, a proteína é liberada no interior do retículo, e não no citosol.

Os ribossomos livres no citosol são responsáveis pela síntese de proteínas que vão atuar no citosol, no núcleo, nas mitocôndrias ou nos cloroplastos. Os ribossomos ligados ao retículo endoplasmático granuloso vão produzir proteínas que irão para o complexo golgiense, vesículas secretoras, lisossomos e vacúolos (LOPES e ROSSO, 2005).

A duplicação do DNA, sua transcrição em RNA e a tradução do RNAm em polipeptídeo constituem o “Dogma Central da Biologia Molecular”.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

Para a construção dos modelos didáticos foram utilizados: massa de modelar de cores variadas, papel cartão e canetinhas.

Os modelos didáticos não chegaram a ser construídos pelos alunos, devido este ano não estar lecionando para o ensino médio e sim para o ensino fundamental. Os vídeos assistidos para a construção dos modelos didáticos foram obtidos através dos seguintes endereços eletrônicos:

<https://www.youtube.com/watch?v=g5p6s9fGfuY>

<https://www.youtube.com/watch?v=DjNGgte52II>

<https://www.youtube.com/watch?v=j8wImIhvjGg>

<https://www.youtube.com/watch?v=27TxKoFU2Nw>

<https://www.youtube.com/watch?v=5bLEDd-PSTQ>

<https://www.youtube.com/watch?v=fynGKohVYHw>

<https://www.youtube.com/watch?v=B7XEaafYNNk>

A aplicação do projeto ocorreu em uma turma de terceiro ano do ensino médio, da Escola Estadual Nielei Medeiros, situada na rua Antonio Bertholdi, 409 no bairro Campo de Santana na cidade de Curitiba – PR, cedida pela professora de Biologia, com consentimento da direção. A aplicação ocorreu em duas etapas, uma aula expositiva teórica, exemplificando o conteúdo e conceitos, e uma aula expositiva prática, com a utilização dos modelos didáticos.

Ao final da aula apliquei algumas perguntas verbalmente para os alunos. As perguntas foram:

- O que é replicação ou duplicação do DNA e porque isso ocorre?
- Na duplicação do DNA qual a função da enzima Helicase, DNA Polimerase III, DNA Polimerase I e a DNA ligase?
- O que são os fragmentos de Okasaki?
- Qual a função do primer de RNA na duplicação do DNA?
- O que ocorre no processo da transcrição?
- Na tradução ocorre a participam de alguns RNAs, explique a função do RNA ribossômico, RNA mensageiro e RNA transportador.
- O que é códon de iniciação e de terminação?
- Explique como ocorre a formação de uma proteína?

4 APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS

O modelo didático foi aplicado em uma turma de terceiro ano do ensino médio da Escola Estadual Nirlei Medeiros, após explicar de forma sucinta todos os processos a serem retratados nos modelos.

Após a aula com a utilização do modelo didático, através de perguntas verbais aos alunos sobre o assunto, constatou-se que a grande maioria compreendeu os processos de replicação, transcrição e tradução.

Vários autores, como Gardner (1995), Schultz *et al.* (2005), Brito *et al.* (2005), Miranda (2001) e Waterman (2001) apontam a utilização dos modelos didáticos e outras atividades lúdicas como instrumentos imprescindíveis e eficientes na facilitação do aprendizado nas diferentes áreas da biologia, principalmente em temas relacionados à genética que requerem abstração e domínio de diferentes conceitos. Recomenda-se assim, o uso de diferentes métodos para atrair e fazer com que os alunos possam concretizar o conteúdo ensinado, valendo-se de técnicas simples e de fácil aplicabilidade. Com isso, o modelo didático das etapas do dogma central da biologia molecular, mostra-se como uma ferramenta eficaz, capaz de trazer ganhos para a sala de aula como um todo: para o professor, por ser uma técnica de motivação,

de fácil confecção e baixo custo, se adequando à realidade escolar; e para os alunos por trazer um ganho significativo de compreensão acerca do assunto tratado.

4.1 MODELO PARA REPLICAÇÃO (ANEXO A)

Com os materiais supracitados, foi exemplificada a replicação semiconservativa, molde de dupla fita de DNA abrindo-se, depois uma dupla fita aberta mostrando a duplicação do DNA, indicando as enzimas utilizadas, cada uma delas com uma cor diferente, o sentido no qual ocorre a duplicação, a formação dos primers de RNA e os fragmentos de Okasaki na fita de replicação descontínua.

Por último, as duplas fitas replicadas mostrando a sua característica de semiconservativa através de massinhas com cores diferentes, identificando a fita molde e a nova fita DNA.

Para cada nucleotídeo foi usado uma massinha de cor diferente. Tomou-se o cuidado de usar sempre as mesmas cores de nucleotídeos para todos os modelos didáticos.

4.2 MODELO PARA TRANSCRIÇÃO (ANEXO B)

Em outro papel cartão demonstrou-se um trecho do DNA que será transcrito. Neste, aparece o emparelhamento de nucleotídeos e a formação do RNAm, enfatizando que no RNA, o nucleotídeo timina do DNA é complementado pelo nucleotídeo uracila. Após isso, no mesmo modelo, aparece o RNAm solto e o trecho de DNA que se abriu, fechado novamente.

4.3 MODELO PARA TRADUÇÃO (ANEXO C)

Finalmente, o último cartão exemplificando o processo da tradução contém uma fita de RNAm indicando vários códons (cada códon com uma cor de massinha diferente), incluindo os de iniciação e de término. Esse cartão contém também, o ribossomo (aparecendo os sítios: E, P e A, nessa ordem), o sítio onde o RNAt entra carregando o anticódon de iniciação Metionina, sua passagem para o sítio P e a

entrada de outro RNAt com outro anticódon, a ligação que ocorre entre eles, a passagem do primeiro RNAt para o sítio E e assim, sucessivamente, ocorrendo a formação de uma nova proteína. É possível identificar as seguintes etapas da tradução: iniciação, alongamento e terminação, com legendas para facilitar a compreensão dos processos.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O objetivo principal deste trabalho foi a construção de um modelo didático com recursos de baixo custo para a melhor compreensão dos processos de replicação, transcrição e tradução pelos alunos de ensino médio.

O trabalho apresenta respeitáveis contribuições para o ensino da Biologia em sala de aula, demonstrando a importância da utilização de modelos didáticos e outros recursos lúdicos para o ensino de Genética.

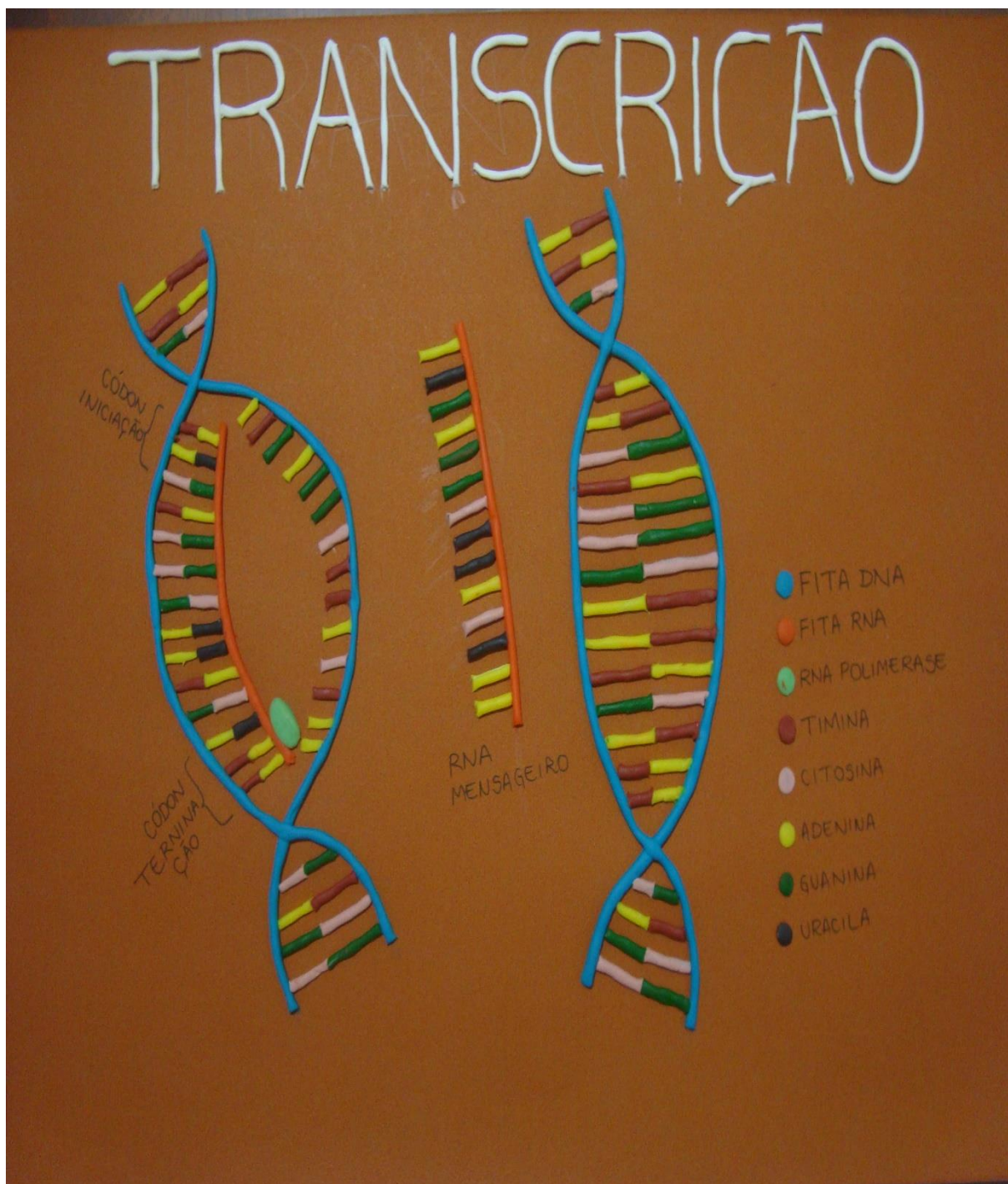
REFERÊNCIAS

- AVERSI-FERREIRA, T.A.; MONTEIRO, C.A.; MAIA, F.A.; GUIMARÃES, A.P.R.; CRUZ, M.R. Estudo de neurofisiologia associado com modelos tridimensionais construídos durante o aprendizado. *Biosci. J.*, v. 24, n. 1, p. 98-103, 2008.
- BRITO, S.R.; SANTOS, T.L.T.; SILVA, A.S.; COSTA, K.; FAVERO, E.L. Apoio Automatizado à mediação da aprendizagem baseada em experimentos. *Renote*. v.3, n. 2, nov. 2005. Disponível em: <<http://www.cinted.ufrgs.br/renote/nov2005/artigosrenote/aAcompanhamentoProcesso.pdf>>.
- FREITAS, L.A.M.; BARROSO, H.F.D.; RODRIGUES, H.G.; AVERSI-FERREIRA, T.A. Construção de modelos embriológicos com material reciclável para uso didático. *Biosci. J.*, v. 24, n. 1, p. 91-97, 2008.
- GARDNER, H. *Inteligências Múltiplas: a teoria na prática*. Porto Alegre: Artes Médicas, 1995.
- JUSTINA, L.A.D.; FERLA, M.R. A utilização de modelos didáticos no ensino de Genética - exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. *Arq Mudi*. v.10, n. 2, p. 35-40, 2006.
- KRASILCHIK, M. *Prática de ensino de biologia*. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 2004.
- LIMA, M. B.; LIMA-NETO, P. Construção de modelos para ilustração de estruturas moleculares em aulas de química. *Química Nova* v. 22, n. 6, p. 903-906, 1999.
- LOPES S.; ROSSO S. *Biologia*. Volume único. 1ª Edição. São Paulo. Editora Saraiva, 2007.
- MIRANDA, S. No fascínio do jogo, a alegria de aprender. *Ciência Hoje*, v. 28, n. 168, p. 64- 66, 2001.
- SCHULTZ, E. S.; MULLER, C.; CORRÊA, S. M. M. Laboratório de aprendizagem: o lúdico nas séries iniciais. 2005. Disponível em: <<http://www.coperves.ufsm.br/prograd/downloads/File/Laboratoriodeaprendizagem.pdf>>
- SEPEL, L.M.N; LORETO, E.L.S. Estrutura do DNA em origami- possibilidades didáticas. *Genética na Escola*, v. 2, n. 1, p. 3-5, 2007.
- WATERMAN, M. A. Caso investigativo como estratégia de estudo para a aprendizagem de Biologia. Julho, 2001. Disponível em: <http://www.lite.fae.unicamp.br/papet/2005/el767a_1s2005/Caso_Investigativo.doc>. Trad. Alandeom W. de Oliveira.

ANEXO A

Modelo didático da Replicação



ANEXO B**Modelo didático da Transcrição**

ANEXO C**Modelo didático da Tradução**